

## FILOGENETIK POPULASI UDANG JERBUNG (*Fenneropenaeus merguensis* de Man) DI INDONESIA BERDASARKAN SEKUENS 16S-rRNA DNA MITOKONDRIA

Eni Kusriani<sup>1)</sup>, Komar Sumantadinata<sup>2)</sup>, Wartono Hadie<sup>1)</sup>, Alimuddin<sup>2)</sup>,  
dan Achmad Sudradjat<sup>1)</sup>

### ABSTRAK

Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui hubungan kekerabatan stok udang jerbung Indonesia sebagai informasi dasar bagi program pemuliaan. Udang jerbung uji berasal dari Pantai Bengkulu, Selat Sunda (Banten), Pantai Cilacap (Jawa Tengah), Selat Lombok (NTB), dan Pontianak (Kalimantan Barat). Amplifikasi PCR dan sekuensing daerah 16S-rRNA DNA mitokondria dilakukan menggunakan primer 5'-CGCCTGTTAAC-AAAAACAT-3' dan 5'-CCGGTCTGAACTCAGATCATGT-3'. Hasil analisis homologi susunan nukleotida 16S-rRNA DNA mitokondria menunjukkan bahwa udang jerbung yang digunakan dalam penelitian merupakan *Fenneropenaeus merguensis*. Hasil analisis kekerabatan menunjukkan bahwa 5 populasi udang jerbung uji dapat dibagi menjadi 2 kelompok besar, yaitu kelompok Kalimantan Barat dan kelompok Bengkulu-Banten-Jawa Tengah-NTB. Populasi udang jerbung Kalimantan dan Bengkulu masing-masing memiliki sekuens spesifik, yaitu ACTGACT dan C-GAC di terminal 5. Sekuens tersebut mungkin dapat digunakan sebagai penanda dalam program pemuliaan udang jerbung Indonesia.

**ABSTRACT:** *Phylogenetic of banana prawn (Fenneropenaeus merguensis de Man) population in Indonesia based on mitochondrial 16S-ribosomal RNA gene sequences. By: Eni Kusriani, Komar Sumantadinata, Wartono Hadie, Alimuddin, and Achmad Sudradjat*

*The experiment was conducted to understand the family relationship of banana prawn in Indonesia and to provide basic information for breeding program. Prawns were obtained from Bengkulu Coast, Sunda Strait (Banten), Cilacap Coast (Central Java), Lombok Strait (West Nusa Tenggara), Pontianak Coast (West Kalimantan). PCR amplification and sequencing of 16S-rRNA mitochondrial DNA region were performed using 5'-CGCCTGTTAAC-AAAAACAT-3' and 5'-CCGGTCTGAACTCAGATCATGT-3'. Analysis of homology sequences of 16S-rRNA mtDNA showed that banana prawn used in this study was *Fenneropenaeus merguensis*. Result of family relationship analysis indicated that five populations of banana prawn can be divided into two groups, i.e. West Kalimantan and Bengkulu-Banten-Central Java-NTB groups. Banana prawns from West Kalimantan and Bengkulu have specific sequences at 5' terminal, ACTGACT and C-GAC, respectively. Those sequences can potentially be used as marker in the breeding program of banana prawn in Indonesia.*

**KEYWORDS:** *phylogenetic, Fenneropenaeus merguensis, 16S-rRNA mtDNA*

### PENDAHULUAN

Udang jerbung (*Fenneropenaeus merguensis* de Man) merupakan salah satu jenis udang penaeid yang mempunyai nilai ekonomis

tinggi. Sebagian besar produksi udang tersebut diperoleh dari hasil tangkapan di alam (Adi, 2007). Pengambilan udang secara terus-menerus dalam jumlah besar dapat menyebabkan stok di alam berkurang drastis. Oleh

<sup>1)</sup> Pusat Riset Perikanan Budidaya, Jakarta

<sup>2)</sup> Departemen Budidaya Perairan-FPIK, Institut Pertanian Bogor

karena itu, penyediaan induk udang jerbung dari budidaya hendaknya segera dikembangkan. Hal ini perlu dilakukan dengan tujuan untuk mencegah eksploitasi yang berlebihan tersebut. Selanjutnya keberhasilan domestikasi/pemuliaan udang jerbung akan mendukung keberhasilan budidaya melalui penyediaan benur yang bermutu.

Kegiatan pemuliaan dan usaha budidaya udang jerbung di masa datang sangat didukung oleh faktor-faktor seperti induk matang gonad siap dipijahkan diperoleh dari budidaya tambak. Pemeliharaan larvanya relatif mudah dengan laju pertumbuhan yang cepat, toleran pada kisaran salinitas, serta temperatur yang lebar, tingkat variabilitas ukuran rendah, dan kebutuhan pasar stabil (Hoang, 2001). Lebih lanjut Haryanti *et al.* (2005) menambahkan bahwa teknik pembenihan udang jerbung perlu segera direalisasikan mengingat udang tersebut mempunyai kesempatan untuk dibenihkan tanpa bergantung pada induk alam. Udang jerbung dapat menjadi kandidat spesies dalam program pemuliaan melalui pemijahan selektif (*selective breeding*) dan hibridisasi untuk memproduksi benih yang memiliki pertumbuhan cepat dan tahan penyakit serta meningkatkan biodiversitas spesies budidaya sehingga lebih memantapkan produksi udang secara komersial. Sehubungan dengan hal tersebut, maka perlu dilakukan penelitian mengenai hubungan kekerabatan udang jerbung di alam sebagai data dasar dalam rangka perbaikan mutu benih melalui program pemuliaan. Informasi variasi genetik populasi alami juga sangat diperlukan dalam pengelolaan keanekaragaman hayati di dalam ekosistem dan pengelolaan keanekaragaman sumberdaya genetik suatu spesies (Sofro, 1994 dalam Suryani *et al.*, 2001).

Penelitian bertujuan memberikan informasi dasar mengenai perbedaan genetik di antara populasi udang jerbung yang ada di Indonesia. Dengan informasi dasar ini, diharapkan perbaikan mutu benih secara genetik dan program konservasi dapat berjalan efektif dan terarah.

## BAHAN DAN METODE

Pengambilan sampel udang dilakukan pada lima lokasi, yaitu Pantai Bengkulu, Selat Sunda (Banten), Pantai Cilacap (Jawa Tengah), Selat Lombok (NTB), dan Pontianak (Kalimantan Barat). Jumlah sampel udang untuk setiap lokasi sebanyak 50 ekor. Sampel udang diawetkan

dalam larutan alkohol 70% sampai dilakukan analisis selanjutnya.

Ekstraksi untuk mendapatkan genom dilakukan berdasarkan modifikasi metode Ovenden (2000). Kaki renang diambil 0,5 mg; dihancurkan dalam tabung Eppendorf yang telah diisi larutan 10% chelex-100 sebanyak 250  $\mu$ L. Larutan proteinase-K (10 mg/mL) sebanyak 5  $\mu$ L ditambahkan ke dalam tabung reaksi sebelum diinkubasi dalam *thermoblock* selama 3—4 jam pada suhu 55°C. Inkubasi dilanjutkan selama 8 menit pada suhu 89°C, didinginkan pada suhu kamar, ditambahkan 55  $\mu$ L TE (Tris-EDTA) buffer (pH 8,0), dan disentrifugasi selama 5 menit pada kecepatan 13.000 rpm. Lapisan paling atas diambil dan dipindahkan ke dalam tabung baru dan disimpan dalam suhu -20°C sebelum dilakukan proses lebih lanjut.

Purifikasi genom udang dilakukan menggunakan kit QIAGEN QIAquick Purification. Genom sebanyak 100  $\mu$ L dipindahkan ke tabung baru dan ditambahkan *binding buffer* 5 kali volume genom, di-*flushing* dengan minisentrifus dan dipindahkan ke dalam kolom filter (*spin column*) dan disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 13.000 rpm. *Binding buffer* dibuang, dan kemudian diganti dengan *wash buffer* 740  $\mu$ L. Proses pembuangan *binding* dan *wash buffer* dilakukan menggunakan sentrifugasi selama 1 menit pada kecepatan 13.000 rpm. Setelah diangin-anginkan selama 2 menit, genome dilarutkan menggunakan *EB elution* 30  $\mu$ L. Sentrifugasi dilakukan selama 1 menit untuk mengumpulkan genom dari *column spin* ke dalam tabung yang baru.

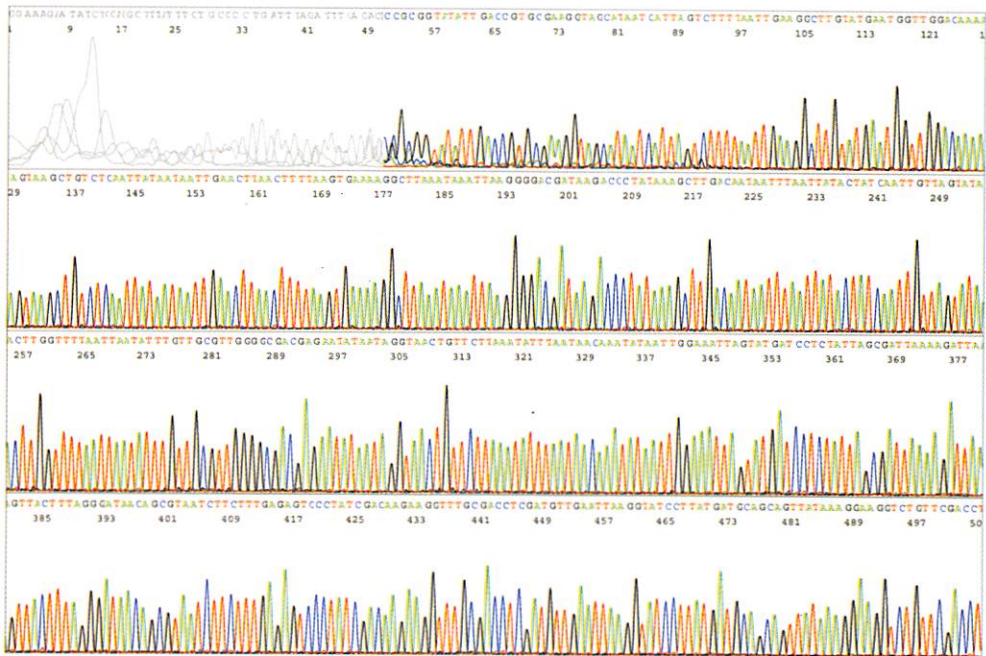
Primer yang digunakan untuk amplifikasi sekuens mitokondria adalah 16S-rRNA (F): 5'-CCG CTG TTT AAC AAA AAC AT-3' (20 bp) dan 16S-rRNA (R): 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ATG T-3' (22 bp). Tabung yang berisi contoh dimasukkan ke dalam mesin PCR yang telah diprogram untuk tahap pertama yaitu proses denaturasi awal pada suhu 93°C selama 2 menit. Tahap kedua sebanyak 30 siklus mulai dari proses denaturasi 93°C selama 0,5 menit. Proses *annealing* (penempelan primer) pada suhu 50°C selama 0,5 menit. Proses ekstensi awal (*elongasi*) pada suhu 72°C selama 45 detik, selanjutnya proses ekstensi akhir pada suhu 72°C selama 5 menit. Penyimpanan sementara dilakukan pada suhu 4°C. Hasil PCR dianalisis dengan elektroforesis menggunakan gel agarosa 0,7% untuk mengetahui pola pita

tunggal yang dihasilkan dari amplifikasi mtDNA.

Produk PCR hasil amplifikasi dipurifikasi dengan menggunakan kit QIAGEN QIAquick Purification. Konsentrasi DNA diukur dengan menggunakan Spektrofotometer (Bio-Spectro, Shimadzu). PCR untuk sekuensing menggunakan primer seperti dijelaskan di atas dan bahan khusus untuk sekuensing DNA berupa Big Dye (ABI Prism, Foster City, USA). Volume reaksi PCR sebanyak 10 µL yang terdiri atas 1,0-1,5 DNA, 2 µL Big Dye, 6 µL H<sub>2</sub>O, dan 1 µL primer. Siklus PCR terdiri atas 3 tahap yaitu denaturasi pada suhu 95°C selama 15 menit, *annealing* pada suhu 43°C selama 15 menit, dan ekstensi pada suhu 60°C selama 240 menit. Sebelum dilakukan sekuensing dengan

mesin ABI Prism versi 3103 – *Avant Genetic Analyzer* (USA), hasil PCR dipurifikasi dan didenaturasi. Hasil sekuensing dapat dilihat secara manual dengan program *sequence navigator* (Applied Biosystem).

Hasil sekuensing 16S-rRNA mtDNA diedit dengan bantuan *software* BIO dan dilakukan analisis *multiple alignment* (pensejajaran berganda) dengan data sekuens tersedia di Bank Gen dengan BLASTN (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/blast.cgi>) pada level nukleotida. Pensejajaran berganda dilakukan dengan bantuan Clustal W. Selanjutnya analisis filogenetik dilakukan dengan bantuan program GENETYX versi 7 dengan metode UPGMA dan program MEGA versi 4,0 dengan metode *Neighbour joining* (Gambar 1 dan 2).



GGGTAACGCTAGCCTGCCACTGATTTAGTTAAAGGGCCGGGTATATTGACCGTGCGAAGGTAGCATA  
 ATCATTAGTCTTTAATTGAAGGCTTGTATGAATGGTTGGACAAAAAGTAAGCTGTCTCAATTATAATAAT  
 TGAATTTAACTTTAAGTAAAAGGCTTAAATAAATTAAGGGGACGATAAGACCTATAAAGCTTGACAAT  
 AATTTAATTATACTATCAATTGTTAGTGTAACCTGGTTTTAATTAATAATTTGCGTTGGGGCCGACGAGA  
 ATATAATAGGTAAGTCTTCTTAAATATTTAATAACAAAATAAATTGAAAATTAGTGTGATCCTCTATTAGC  
 GATTAAGAAAGTTAAGTTACTTTAGGGATAACAGCGTAATCTTCTTTGAGAGTCCACATCGACAAGAGGTT  
 TGCGACCTCGATGTTGAATTAAGGTATCCTTATGATGCAGCAGTTATAAAGGAAGGCTGTTTCGACCTTA  
 AATCCTTACATGATCTGTTCCCAACCAGAAGTTTTTTGTTAGTCTTATACAGTTTTTTGTGCAACCAAG  
 CGGGCGTTTAAATTAAGTGTGGTGAGGTTGTGGTCAAGCGGGGGGGTCTTGGCGTGAGCTTGATTT  
 ATAGTAGATTT

Gambar 1. Hasil sekuensing 16S-rRNA mtDNA udang jerbung (*Fenneropenaeus merguensis*)  
 Figure 1. Sequencing result of 16S-rRNA mtDNA (under) of banana prawn (*Fenneropenaeus merguensis*)

<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	CTGCCACTGATTAGTTAAAGGGCCGCTATATTGACCGTCCGAACKTAGCATAATC	60
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	ACTGAT.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	..... C. GAC.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	60
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	ATTAGTCTTTAAITGAAGGCTTGTATGAATGGTTGGACAAAAAGTAAAGCTGTCTCAATT	120
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	120
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	ATAATAATTGAATTTAACTTTTAAAGTAAAAGGCTTAAATAAATAAGGGACGATAAGA	180
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	180
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	CCCTATAAAGCTTGACAATAATTTAATTATACIATCAATIGTTFAGTGAAGTGGTTTAA	240
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	240
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	ATTAATAATTGTTGCGTTGGGGCGACGAGAATATAATAGGTAAGTGTTCITAAAATTTTA	300
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	300
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	ATAACAAATATAATTGAAAATTAGTGTATCCTCTATTAGCGATTAAAAGATTAAAGTTAC	360
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	360
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	TTTAGGGATAACAGCGTAATCTCTTTGAGAGTCCACATCGACAAGAAGGTTTGCACCT	420
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	.....	419
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	.....	419
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	.....	419
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	.....	419
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	420

<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....A.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....A.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....A.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....A.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....A.....	420
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AF335280.1	CGATGTTGAATTAAGGTATCCTTATGATGCAGCAGTTATAAAGGAAGGTCTGTTCCACCT	480
<i>Fenneropenaeus silasi</i> _AF401305.1	TCGATG.TG.ATT.A.GTAT.C.TATGATGCAGCAG.TAT.A.G.A.GTCTG.TCGA.C	479
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _AF335279.1	TCGATG.TG.ATT.A.GTAT.C.TATGATGCAGCAG.TAT.A.G.A.GTCTG.TCGA.C	479
<i>Fenneropenaeus indicus</i> _DQ149968.1	TCGATG.TG.ATT.A.GTAT.C.TATGATGCAGCAG.TAT.A.G.A.GTCTG.TCGA.C	479
<i>Fenneropenaeus penicillatus</i> _AY264912.1	TCGATG.TG.ATT.A.GTAT.C.TATGATGCAGCAG.TAT.A.G.A.GTCTG.TCGA.C	479
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143982.1	.....	466
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> _AY143981.1	.....	466
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> NTB	.....	480
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Jawa Tengah	.....	480
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Kalbar	.....	480
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Bengkulu	.....	480
<i>Fenneropenaeus merguensis</i> Banten	.....	480

Gambar 2. Pensejajaran berganda 480 bp fragmen dari 16S-rRNA mtDNA udang jerbung hasil penelitian dengan *Fenneropenaeus merguensis* dan udang penaeid yang lain di Bank Gen. Titik-titik menandakan nukleotida tersebut identik dengan sekuens genetik di atasnya

Figure 2. Multiple alignments of 480 bp fragments from 16S-rRNA mtDNA banana prawn experiment with *Fenneropenaeus merguensis* and Penaeid shrimp from Gen Bank. Dot is as identical as with the upper nucleotide sequences

## HASIL DAN BAHASAN

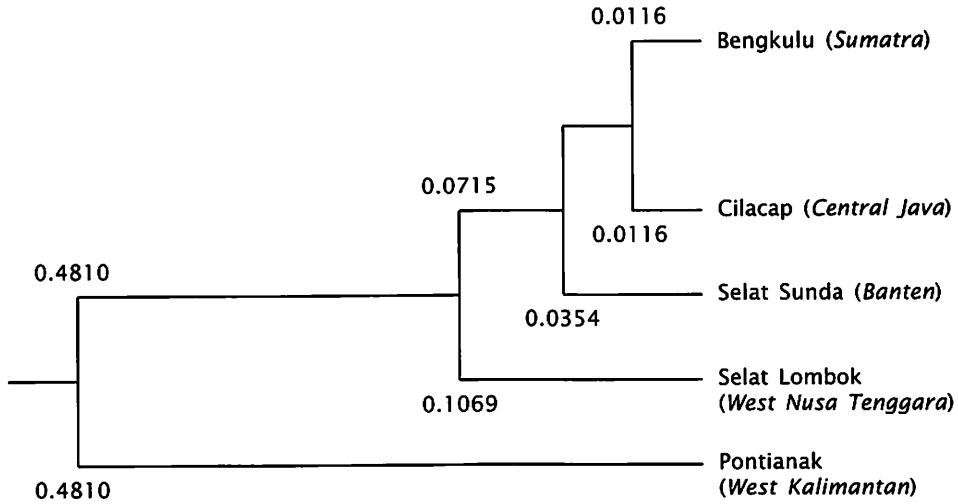
Panjang fragmen 16S-rRNA mtDNA udang jerbung hasil amplifikasi PCR adalah sekitar 537 bp. Dengan menggunakan primer yang sama dengan amplifikasi PCR, fragmen 16S-rRNA mtDNA diamplifikasi untuk tujuan sekuensing. Panjang sekuens yang terbaca dari hasil sekuensing adalah 480 nukleotida (Gambar 1).

Pensejajaran berganda (*multiple alignment*) dengan data sekuens 16S-rRNA mtDNA udang-udang yang termasuk ke dalam genus *Fenneropenaeus* yang tersedia di Bank Gen ditunjukkan pada Gambar 2. Jumlah nukleotida yang disejajarkan antara udang jerbung penelitian dengan *F. merguensis* dari Bank Gen (AF335280.1; Rungsithum *et al.* (2001) sebagai pembanding adalah sama, yaitu berukuran 480 nukleotida. Analisis homologi sekuens menggunakan *blastN* menunjukkan bahwa persentase kemiripan udang jerbung hasil penelitian dengan *F. merguensis* yang ada di Bank Gen berkisar 98%–100%. Persentase kemiripan sekuens yang tinggi ini diduga menjadi indikasi kuat bahwa udang jerbung uji merupakan *F. merguensis*. Perbedaan sekuens ditemukan pada populasi Pontianak sebanyak 6 nukleotida (5'-.....ACTGAT.....-3') yang terletak pada sekuens pertama sampai yang keenam, sementara pada populasi Bengkulu sebanyak 4 nukleotida (5'-.....C-GAC.....-3') pada sekuens ke-19, 21, 22, dan 23 (Gambar 2). Selanjutnya, untuk populasi

Selat Sunda, Selat Lombok, dan Cilacap tidak terdapat perbedaan susunan nukleotida dibandingkan dengan *F. merguensis* dari Bank Gen. *F. merguensis* memiliki nukleotida spesifik pada sekuens ke-398, yaitu A (adenin), yang tidak dimiliki oleh udang Penaeid yang lain. Basa adenin tersebut mungkin dapat menjadi penanda spesies bagi *F. merguensis*.

Seperti ditunjukkan pada Gambar 2, analisis *multiple alignment* antara *Fenneropenaeus merguensis* dengan *F. silasi*, *F. indicus*, dan *F. penicillatus* menggambarkan adanya variasi yang tinggi pada ujung terminal 3 sekuens 16S-rRNA mtDNA. Sekuens tersebut dapat menjadi target analisis secara molekuler menggunakan PCR untuk identifikasi spesies dalam genus *Fenneropenaeus*, minimal keempat spesies tersebut.

Analisis kekerabatan dilanjutkan menggunakan metode UPGMA. Hasil analisis kekerabatan menunjukkan bahwa populasi udang jerbung yang diteliti terbagi menjadi 2 kelompok (kluster) utama, yaitu kluster pertama yang terdiri atas Selat Lombok (NTB), pantai Cilacap (Jawa Tengah), Selat Sunda (Banten), dan pantai Bengkulu, sedangkan untuk pantai Pontianak (Kalimantan Barat) membentuk kluster tersendiri (Gambar 3). Kekerabatan paling jauh adalah antara populasi Kalimantan Barat dengan Bengkulu, sedangkan yang paling dekat adalah antara Jawa Tengah dengan Bengkulu. Sekuens spesifik yang dimiliki oleh populasi udang jerbung asal Kalimantan Barat



Gambar 3. Dendrogram UPGMA berdasarkan nukleotida daerah 16S-rRNA mtDNA udang jerbung (*Fenneropenaeus merguensis*) berukuran 480 bp dari Bengkulu, Jawa Tengah, Banten, NTB, dan Kalimantan Barat

Figure 3. UPGMA dendrogram based on 480 bp nucleotide of 16S-rRNA mtDNA of banana prawn (*Fenneropenaeus merguensis*) obtained from Bengkulu, Central Java, Banten, West Nusa Tenggara, and West Kalimantan

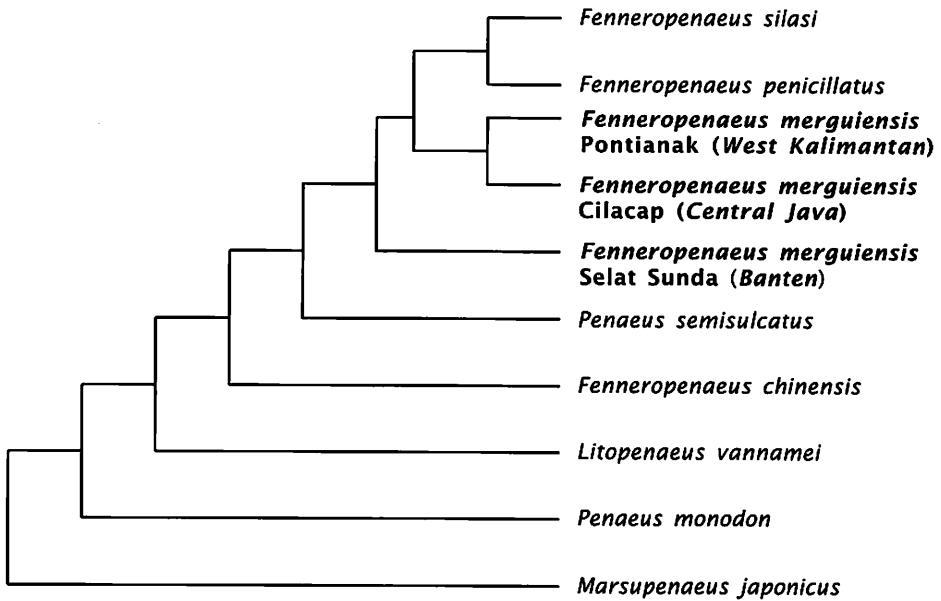
dan Bengkulu menyebabkan jarak genetik antara kedua populasi ini menjadi paling jauh.

Parameter jarak genetik dapat digunakan sebagai acuan dalam program pemuliaan. Perkawinan antara populasi yang memiliki kekerabatan yang jauh akan menghasilkan benih dengan keragaan (heterosis) yang lebih tinggi dibandingkan dengan benih yang diperoleh dari induk yang kekerabatannya dekat (Suparyanto *et al.*, 1999). Berdasarkan hasil analisis UPGMA, diduga bahwa perkawinan antara udang jerbung asal Kalimantan Barat dan Bengkulu akan menghasilkan benih dengan keragaan paling tinggi dibandingkan dengan kombinasi perkawinan yang lain.

Analisis lebih lanjut dilakukan untuk mengetahui apakah analisis sekuens 16S-rRNA mtDNA dapat mendukung pengelompokan udang penaeid berdasarkan morfologi. Dalam analisis ini digunakan 4 genus udang, yaitu *Penaeus*, *Litopenaeus*, *Marsupenaeus*, dan *Fenneropenaeus*, yang mencakup 8 spesies. Seperti ditunjukkan pada Gambar 4, bahwa pengelompokan udang secara morfologi sejalan dengan hasil analisis secara molekuler, meskipun tidak ada pola yang jelas urutan untuk setiap genus udang termasuk *F. chinensis* yang terpisah klusternya dengan

spesies *Fenneropenaeus* yang lain. Udang jerbung uji berada dalam kluster yang sama dengan *F. silasi* dan *F. penicillatus*. Pada penelitian ini hanya menggunakan sebagian dari sekuens gen 16S-rRNA mtDNA. Analisis menggunakan total sekuens gen 16S-rRNA mtDNA mungkin dapat menghasilkan pola pengelompokan udang penaeid yang jelas atau mungkin dapat memberikan informasi baru dan berbeda.

Penerapan studi genetik dalam permasalahan pemuliaan dan konservasi didasari oleh teori genetika populasi, yang mempelajari faktor-faktor yang menentukan komposisi genetik suatu populasi dan bagaimana faktor-faktor tersebut berperan dalam proses evolusi (Halliburton, 2004 dalam Suzzana, 2007). Beberapa faktor yang sangat berperan dalam kejadian evolusi pada suatu populasi adalah seperti mutasi, rekombinasi, seleksi alam, *genetic drift*, *gene flow*, dan perkawinan yang tidak acak. Faktor-faktor tersebut akan memunculkan keragaman genetik pada suatu populasi, dan hal ini dapat memberikan informasi yang berguna untuk memahami kekuatan-kekuatan yang menyebabkan evolusi (Cavalli-sforza, 1998). Keragaman genetik yang tinggi akan sangat membantu suatu populasi beradaptasi terhadap



Gambar 4. Dendrogram udang jerbung hasil penelitian dengan udang-udang penaeid dari populasi lain dari Bank Gen berdasarkan sekuens nukleotida 16S-rRNA mtDNA dengan panjang 480 bp

Figure 4. Dendrogram of banana prawn experiment with penaeid shrimp from Gen Bank based on 480 bp nucleotide sequence of 16S-rRNA mtDNA

perubahan-perubahan yang terjadi di lingkungan sekitarnya (Halliburton, 2004 dalam Suzzana, 2007).

Data penyebaran dan kondisi stok populasi di alam merupakan informasi dasar yang dibutuhkan dalam upaya pemuliaan dan pelestarian plasma nutfah. Beberapa ahli genetik mengungkapkan bahwa usaha untuk menyelamatkan individu cukup efektif hanya dengan mempertahankan keragaman genetik (Lande, 1988 dalam Suzzana, 2007). Dalam hal ini data dasar mengenai keragaman genetik mutlak diperlukan untuk memulai program pemuliaan/domestikasi suatu spesies. Penelitian ini telah menyediakan informasi dasar dalam hal kekerabatan stok udang jerbung yang ada di Indonesia, khususnya pada kelima lokasi uji.

#### KESIMPULAN DAN SARAN

Analisis sekuens nukleotida 16S-rRNA mtDNA mengelompokkan udang jerbung dari 5 populasi ke dalam 2 kelompok utama, yaitu kelompok Kalimantan Barat dan kelompok NTB-Banten-Bengkulu-Jawa Tengah. Populasi udang jerbung Kalimantan dan Bengkulu masing-

masing memiliki sekuens khas, yaitu ACTGAT dan C-GAC.

#### Saran

1. Perlu penelitian udang jerbung lebih lanjut dari populasi lain yang ada di Indonesia untuk mengetahui keragaman genetiknya.
2. Populasi udang jerbung dari Kalimantan Barat dapat digunakan sebagai bahan untuk *selective breeding* dengan populasi daerah lainnya untuk meningkatkan keragaman genetik.

#### UCAPAN TERIMA KASIH

Riset ini dibiayai oleh DIPA Kegiatan Riset Analisis Kebijakan Pengembangan Perikanan Budidaya, Pusat Riset Perikanan Budidaya tahun anggaran 2007-2008 dan penulis mengucapkan terima kasih kepada Prof. Riset Dr. A. Sudradjat selaku penanggung jawab.

#### DAFTAR PUSTAKA

Adi, C.P. 2007. *Optimasi Penangkapan Udang Jerbung (Penaeus merguensis de Man) di Lepas Pantai Cilacap*. Tesis. Sekolah Pascasarjana, IPB. 47 pp.

- Cavalli-Sforza, L.L. 1998. The DNA revolution in population genetic. *TIG*. 14(2): 60—65.
- Haryanti, S.B. Moria, G.N. Permana, K. Wardana, dan A. Muzaki. 2005. Pembenihan *Penaeus semisulcatus*/*Penaeus merguensis* serta pemantapan teknik pembenihan *Litopenaeus vannamei* melalui kontrol biologi. *Laporan Proyek Penelitian*. Balai Besar Riset Perikanan Budidaya Laut, Gondol. 17 pp.
- Hoang, T. 2001. The Banana prawn - the right species for shrimp farming. *J. World Aquaculture Soc.* 32(4): 40—43.
- Ovenden, J.R. 2000. *Development of Restriction Enzyme Markers for Red Snapper (Lutjanus erythropterus and Lutjanus malabaricus) Stock Discrimination using Genetic Variation in Mitochondrial DNA*. Molecular Fisheries Laboratory, Southern Fisheries Center. 18 pp.
- Rungsithum, J., W. Chotigeat, A. Chunumpai, and A. Phongdara. 2001. Molecular Phylogenetic Analysis of *Penaeus merguensis* and *Penaeus indicus*. <http://www.NCBI.nlm.gov/Bank Gen>.
- Suparyanto, A., T. Purwadaria, dan Subandriyo. 1999. Pendugaan jarak genetik dan faktor peubah pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui pendekatan analisis morfologi. *J. Ilmu Ternak dan Veteriner*. 4: 80—87.
- Suryani, S.A.M.P, Sukoso, dan K. Sugama. 2001. Hubungan kekerabatan tiga spesies ikan kerapu sunu (*Plectropomus* spp.) atas dasar variasi genetika. *Biosain*. 1(3): 99—107.
- Suzzana, E. 2007. *Analisis Hubungan Kekerabatan Berdasarkan Morfologi, Aktivitas Harian, Gambaran Darah, dan Karakter DNA Mitokondrion beberapa Subspesies Burung Beo (Gracula religiosa Linnaeus 1758)*. Disertasi. Institut Pertanian Bogor. 157 pp.